第43卷 第2期
2023年4月
桂林电子科技大学学报
Journal of Guilin University of Electronic Technology
Vol. 43, No. 2
Apr. 2023

# 寨卡和登革热输入中国及引起本地传播的风险估计

王丽莹[1]，赵建国[2]，马文军[3]，肖建鹏[2]，祝光湖[1]

（1. 桂林电子科技大学 数学与计算科学学院，广西 桂林 541004；
2. 广东省疾病预防控制中心 广东省公共卫生研究院，广州 511430；
3. 暨南大学 基础医学与公共卫生学院，广州 510632）

**摘 要**：估计寨卡和登革热(DEN)疫情从亚洲输入中国及引起本地暴发的风险。基于2015—2017年国外疫情和流动人口数据，构建输入模型估计输入病例数，并计算基于不同温度和群体免疫水平下分支过程的本地疫情传播概率及基本再生数。中国的寨卡输入病例主要来自新加坡、泰国和越南，预测的病例数分别为7.0(95% CI：6.5～7.5)、2.0(95% CI：1.8～2.2)和1.0(95% CI：0.9～1.1)；登革热输入病例主要来自泰国、马来西亚、新加坡、越南、菲律宾、印度尼西亚、印度和韩国，预测的病例数分别为700.0(95% CI：679.8～720.2)、654.1(95% CI：641.8～666.2)、376.3(95%CI：368.2～384.1)、277.1(95% CI：268.55～285.33)、241.2(95% CI：233.6～248.8)、67.0(95% CI：59.6～74.5)、9.1(95% CI：6.7～11.3)和3.0(95% CI：1.9～4.1)。温度在28.9 ℃左右是最适宜寨卡和登革热传播的条件，此时发生本地传播的风险概率分别为24.4%和99.9%。将人类群体免疫水平从0增加到0.2和0.6，寨卡和登革热的基本再生数分别为8.1、6.7、3.2和3.2、2.7、1.3。输入病例更多来自于南亚，中国中南和东南是暴发本地传播的高风险地区，特别是在6-8月。新加坡疫情更容易导致寨卡在中国传播，而泰国、越南、马来西亚和新加坡疫情是中国发生登革热本地传播的最大导火索。

**关键词**：寨卡；登革热；风险评估；病例输入；本地传播

**中图分类号**：R183 **文献标志码**：A **文章编号**：1673-808X(2022)05-0165-08

# Risk estimation of Zika and DEN fever importing China and causing local transmission

WANG Liying[1], ZHAO Jianguo[2], MA Wenjun[3], XIAO Jianpeng[2], ZHU Guanghu[1]

(1. School of Mathematics and Computing Science, Guilin University of Electronic Technology, Guilin 541004, China;
2. Guangdong Provincial Center for Disease Control and Prevention, Guangdong Provincial Institute of Public Health, Guangzhou 511430, China;
3. School of Basic Medicine and Public Health, Jinan University, Guangzhou 510632, China)

**Abstract**: The aim of this paper is to estimate the risk of Zika and dengue fever (DEN) infection that imports from Asia and causes local outbreaks. Based on the oversea epidemic data and the floating population between 2015 and 2017, an input model was built to estimate the number of imported cases, and the local epidemic transmission probability and basic regeneration number were calculated via the branching process under different temperatures and herd immunity levels. The imported cases of Zika in China mainly came from Singapore, Thailand and Vietnam, with the predicted number of cases as 7.0 (95% CI: 6.5-7.5), 2.0 (95% CI: 1.8-2.2) and 1.0 (95% CI: 0.9-1.1). The imported DEN cases were mainly from Thailand, Malaysia, Singapore, Vietnam, Philippines, Indonesia, India and Korea, the predicted number of cases as 700.0 (95%CI: 679.8-720.2), 654.1 (95%CI: 641.8-666.2), 376.3 (95% CI: 368.2-384.1), 277.1 (95% CI: 268.6-285.3), 241.20 (95% CI: 233.6-248.8), 67.03 (95% CI: 59.6-74.5), 9.1 (95% CI: 6.7-11.3) and 3.0 (95% CI: 1.9-4.1). The optimum temperature for Zika and DEN transmission is around 28.9 ℃, in which the risk probability of local transmission is 24.4% and 99.9%, respectively. When the human herd immunity level is 0, 0.2 and 0.6, the basic reproduction numbers

**收稿日期**：2021-12-21
**基金项目**：国家自然科学基金(81773497,82041021,12171116)
**通信作者**：祝光湖(1979—)，男，研究员，博士，研究方向为公共卫生大数据分析、传染病动力学、流行病与卫生统计。E-mail:ghzhu@guet.edu.cn
**引文格式**：王丽莹，赵建国，马文军，等. 寨卡和登革热输入中国及引起本地传播的风险估计[J]. 桂林电子科技大学学报，2023，43(2)：165-172.

of Zika and DEN are 8.1, 6.7, 3.2 and 3.2, 2.7, 1.3, respectively. The imported cases mainly come from South Asia. South-central and south-eastern China are top-risk areas for local transmission, especially in June-August. The infection in Singapore is more likely to cause Zika outbreak in China, while the infection in Thailand, Vietnam, Malaysia and Singapore are the biggest cause of local transmission of DEN in China.

**Key words**: Zika; dengue fever; risk assessment; imported cases; local transmission

近几十年来，人类旅行的大幅增长和范围扩大导致传染病在全球蔓延，典型的例子包括蚊媒传染病和最近的新冠肺炎[1-2]。寨卡和登革热主要通过伊蚊传播，集中分布在热带和亚热带地区，亚洲是主要疫区之一[3]。2015—2016 年，寨卡病毒暴发了前所未有的爆炸性疫情，席卷南美，并蔓延至亚洲[4-5]，世界卫生组织记录显示，共有 87 个国家和地区报告本地寨卡病毒感染证据，疑似和确诊病例超过 140 万[6]。近几年登革热疫情暴发的频率和规模在持续上升，全球约 128 个国家面临风险，每年大概 3.90 亿人被感染，其中 9 600 万例出现临床症状，造成极为严重的疾病负担[7-8]。2019 年世界卫生组织将登革热列为全球十大健康威胁之一[9]。对这两类传染病在中国本土传播的风险评估具有重要的科学意义。

据国家旅游局、中国旅游研究院等有关机构数据显示，2015 年中国出境旅游人数达到 1.17 亿人次，入境旅游人数达到 1.34 亿人次，其中亚洲地区占 65.40%。Lai 等[10]发现东南亚到中国的航空旅客数量从 2005—2015 年翻两番，随着航空运输量增加，东南亚登革热传入中国的可能性显著增加。岳玉娟等[11]探讨了 2014—2018 年中国登革热重点疫区病例空间特征及相关因素，发现登革热病例集中在广东和云南省境内，本地病例与境内输入病例，境外输出病例高度相关。刘小波等[12]发现 2019 年中国绝大多数项目省媒介伊蚊密度超过登革热传播或暴发阈值，登革热本地传播及暴发风险高。杨志俊等[13]回顾了中国输入病例的发现过程、旅行史以及确诊途径等流行病学要素，提出需要加强入境人口的筛查，并注意控蚊的建议。Zhang 等[14]也提出要及时监测从疫情发生国入境人员感染情况的建议。



目前，从亚洲地区输入寨卡和登革热的病例数与中国本地寨卡和登革热传播程度及在时空上的潜在风险尚不清楚。鉴于此，整合亚洲疫情、人口旅游情况和气候环境等数据，借助 MATLAB 进行数值分析，评估疫情输入中国和引起本地传播的风险。采用 Dorigatti 等[15]开发的数学模型估计 2015—2017 年亚洲地区流行期间预计引入中国的寨卡和登革热感染人数。温度在蚊媒病毒感染中起关键作用，其影响包括调节病毒和蚊虫的传播因子(转化率、蚊虫叮咬率和死亡率)。量化寨卡病毒和登革热输入中国的风险，并使用 Johansson 等[16]描述的分支过程方法估计输入寨卡和登革热后本地传播概率。

## 1 材料与方法

### 1.1 数据来源

基于中国知网、百度学术、必应学术和 SCI-HUB 文献检索库输入登革热(dengue fever)、寨卡(zika)和风险评估(risk assessment)等关键词搜寻相关文献，按照相关度进行筛选。从世界卫生组织中获取 2015—2017 年寨卡和登革热的病例数与流行时间窗口(https://ntdhq.shinyapps.io/dengue5/)。中国出境的旅游人数在国家统计年鉴中获得(http://www.stats.gov.cn/tjsj/ndsj/)，新加坡、菲律宾、韩国、印度、印度尼西亚、泰国、马来西亚、越南和日本等地区的入境旅游人数从中国国家统计局-文化和旅游部获得(https://data.stats.gov.cn/gjwz.htm 和 https://www.stb.gov.sg/content/stb/en.html)。2015—2017 年全国 698 个气象站点每日气象资料在中国科学数据共享服务平台获取(http://data.cma.cn)，将各省份所含站点的月平均值作为各省月气温数据。从百度获取各个国家 2015 年的人口数据(http://www.hotelaah.com/Asia.html)。

### 1.2 寨卡和登革热输入病例数的风险分析

根据 Dorigatti 等[15]开发的数学模型，将流行病学数据与旅行数据相结合，以量化疾病传入风险。该模型通过入境和出境模拟一种疾病传入未受影响国家的 2 种方式。设 $O$(亚洲地区除中国)代表疾病的起源地，$S$(中国)代表未受疾病感染的地区。入境病例数是指由 $S$ 地前往 $O$ 地旅行的游客，在 $O$ 逗留期间被感染，然后在恢复之前返回 $S$ 的游客人数。故 $S$ 到 $O$ 的入境病例数

$$I_{S\to O}=T_{S\to O}\lambda P_H, \tag{1}$$

其中，

$$\lambda=\frac{N_O L_O}{POP_O W}, \tag{2}$$

$$P_H=\min\left(\frac{T_E+T_I}{L_O},\ 1\right)。 \tag{3}$$

出境病例数是指在 $O$ 地受感染,在潜伏期或染病期到达 $S$ 地旅游的人口数量。故 $O$ 到 $S$ 的出境病例数

$$E_{O \to S} = N_O P_S P_I, \tag{4}$$

其中,

$$P_S = \frac{T_S W}{365 POP_O}, \tag{5}$$

$$P_I = \min\left(\frac{T_E + T_I}{W}, 1\right)。 \tag{6}$$

即输入中国的病例数

$$N = I_{S \to O} + E_{O \to S}。 \tag{7}$$

### 1.3　寨卡和登革热本地传播的风险评估模型

基本再生数 $R_0$ 表示在完全易感人群中由一个原发病例产生的次级病例的平均数量,是传播性的关键衡量标准[17]。采用 Johansson 等[16]描述的分支过程方法计算 $R_0$,从而探讨病毒的传播潜力。

$$R_0 = R_0^{hv} R_0^{vh}, \tag{8}$$

$$R_0^{hv} = \varphi \alpha \beta_{hv} \gamma T_I, \tag{9}$$

$$R_0^{vh} = \frac{\alpha \beta_{vh}}{\mu}。 \tag{10}$$

其中:$R_0^{hv}$ 表示每个感染者产生感染载体的平均数量;$R_0^{vh}$ 表示每个传染性载体产生的传染性人类的平均数量。模型中的其他参数见表 2。

应用 $R_0^{hv}$ 和 $R_0^{vh}$ 计算输入病例数的本地传播概率,并使用负二项式分布生成函数[16-18]来表示生成步骤,其色散参数为 $k$。蚊媒与人类的概率生成函数分别用 $g_v(s)$ 和 $g_h(s)$ 来描述,即

$$g_v(s) = \left(1 + \frac{R_0^{hv}}{k}(1-s)\right)^{-k}, \tag{11}$$

$$g_h(s) = \left(1 + \frac{R_0^{vh}}{k}(1-s)\right)^{-k}。 \tag{12}$$

其中,$0 \leqslant s \leqslant 1$。本地传输的复合函数为

$$g_v(g_h(s)) = \left(1 + \frac{R_0^{hv}}{k}(1-g_h(s))\right)^{-k}, \tag{13}$$

其一个特性是 $g_h(0)$ 代表零代灭绝的概率。因此,输入一个病例和多个病例的本地传播概率可分别表示为

$$P_{\text{autoone}} = 1 - g_v(g_h(0)), \tag{14}$$

$$P_{\text{multiple}} = 1 - g_v(g_h(0))^N。 \tag{15}$$

若人类种群由于先前的暴露或交叉保护而并非完全易感,则输入病例后灭绝的可能性会增加。为此,使用有效繁殖数 $R_e^{vh}$ 进行调整,即用 $R_e^{vh}$ 替换 $R_0^{vh}$。参数 $R_e^{vh}$ 是通过调整 $R_0^{vh}$ 与免疫(原免疫)人群的比例而得出[16-18],

$$R_e^{vh} = R_0^{vh}(1 - P_{\text{immune}})。 \tag{16}$$

昆虫学参数依赖温度,是温度 $T$ 的函数[19-21],具体表达式如下。其中,当温度 $T$ 取某确定值时,式(17)、(18)、(19)和(20)的值随之确定,即可确定模型(9)和(10)中的参数值。

$$\mu(T) = 0.869\,2 - 0.159T + 0.011\,16T^2 - 0.000\,340\,8T^3 + 0.000\,003\,809T^4, \tag{17}$$

$$\alpha(T) = 0.004\,3T + 0.094\,3, \tag{18}$$

$$\beta_{hv}(T) = \max\{0.001\,044T(T - 12.286)(32.461 - T)^{1/2}, 0\}, \tag{19}$$

$$\beta_{vh}(T) = \begin{cases} 0.072\,9T - 0.903\,7, & 12.4\ ℃ \leqslant T \leqslant 26.1\ ℃; \\ 1, & 26.1\ ℃ < T \leqslant 32.5\ ℃。\end{cases} \tag{20}$$

**表 1　亚洲多国与寨卡和登革热疫情相关的数据**

| 地区名称 | 人口数量 | 寨卡病 | | 登革热 | |
|---|---|---|---|---|---|
| | | 寨卡病发生年 | 病例数/例 | 登革热起止年 | 病例数/例 |
| 新加坡 | 5 607 283 | 2016 | 411 | 2015—2017 | 27 203 |
| 印度尼西亚(印尼) | 258 383 264 | 2015 | 1 | 2015—2017 | 373 227 |
| 菲律宾 | 105 172 921 | 2017 | 57 | 2015—2017 | 543 350 |
| 泰国 | 68 714 519 | 2015 | 686 | 2015—2017 | 262 073 |
| 印度 | 1 338 658 835 | 2017 | 3 | 2015—2017 | 417 480 |
| 日本 | 126 994 512 | 2016 | 8 | — | — |
| 韩国 | 51 217 803 | 2017 | 19 | 2015—2016 | 574 |
| 马来西亚(大马) | 31 660 700 | 2016 | 2 | 2015—2017 | 294 153 |
| 越南 | 93 640 435 | 2016 | 219 | 2015—2016 | 207 610 |

注:寨卡起止时间具体如下:2016 年 7 月 1 日到 12 月 31 日(新加坡);2017 年 1 月 1 日到 2 月 29 日(菲律宾);2017 年 1 月 1 日到 2 月 29 日(印度);2016 年 9 月 1 日到 12 月 31 日(马来西亚);—表示无报告病例数(日本)。

表 2 模型参数描述

| 参数 | 定义 | 取值 | 来源 |
|---|---|---|---|
| $POP_O$ | 亚洲地区的人口总数 | $v$ | 表 1 |
| $T_S$ | 每年亚洲地区到中国的旅行者人数 | $v$ | 国家统计局、中华人民共和国文化和旅游部 |
| $T_{S\to 0}$ | 疫情期间中国到亚洲地区的旅行者人数 | $v$ | 国家统计年鉴 |
| $N_O$ | 在亚洲地区的病例数/例 | $v$ | 表 1 |
| $W$ | 流行时间窗口/天 | $v$ | 表 1 |
| $\lambda$ | 在亚洲逗留的人均感染风险 | 式(2) | 文献[15] |
| $P_H$ | 在潜伏期或染病期返回亚洲其他国家的概率/% | 式(3) | 文献[15] |
| $P_S$ | 在疫情窗口期间亚洲其他国家到中国的人均概率/% | 式(5) | 文献[15] |
| $P_I$ | 感染者在流行时间窗口处于潜伏期或染病期的概率/% | 式(6) | 文献[15] |
| $1/\mu$ | 平均病媒寿命/天 | 式(17) | 文献[19-20] |
| $\alpha$ | 每只蚊子每天叮咬的次数 | 式(18) | 文献[19] |
| $\beta_{hv}$ | 人到病媒的有效传播率 | 式(19) | 文献[19-21] |
| $\beta_{vh}$ | 病媒对人的有效传播率 | 式(20) | 文献[19-21] |
| $L_O$ | 旅行者在亚洲地区的平均逗留时间/天 | 7 | 文献[22] |
| $T_E$ | 感染寨卡的人类内在潜伏期/天 | 3.50 | 文献[23] |
| $T_I$ | 感染寨卡的人类染病期/天 | 15 | 文献[24] |
| $T_E$ | 感染登革热的人类内在潜伏期/天 | 5 | 文献[25] |
| $T_I$ | 感染寨卡的人类染病期/天 | 6 | 文献[25] |
| $\varphi$ | 人均雌性蚊子数量/只 | 0.35 | 文献[26] |
| $\gamma$ | 病媒生物存活外部潜伏期的平均比例/% | 0.89 | 文献[27] |
| $k$ | 色散参数 | 0.10 | 文献[28] |



### 1.4 模型验证

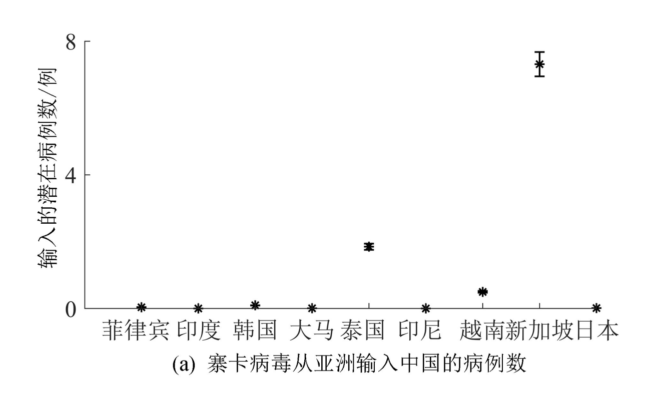
基于模型估计从 9 个受寨卡和登革热影响的亚洲国家(新加坡、菲律宾、韩国、印度、印度尼西亚、泰国、马来西亚、越南和日本)疫情波及到中国的风险。模型验证在 MATLAB R2018a 运行,结果均通过检验,对应的 $P$ 小于 0.05。假设游客在海外逗留的平均天数(7 天)代表来自亚洲地区的游客在中国的平均逗留时间[22]。假设负二项概率生成函数,色散参数固定在 $k=0.1$ 处,以估计本地传输的概率[28]。假设有症状的寨卡和登革热病例与健康人有相同的旅行概率,这 9 个国家与中国的旅行者人数通过国家统计年鉴与各个国家的旅游局获得。汇总 9 个国家疫情时间窗口(从 2015 年以后第一批确诊病例出现症状到 2017 年最后一批确诊病例之间的天数)内的旅行者人数。

为验证模型的有效性,进行案例研究。输入病例数预期数量的不确定性是通过从潜伏期和感染期分布中抽样 1 000 个来计算 95%置信区间。由于人类群体的免疫力对疫情起重要作用,探讨当人类免疫能力不断增强时,寨卡和登革热在中国的传播概率。利用温度对蚊媒传染病的影响,探讨不同温度和免疫条件对基本再生数 $R_0$ 的影响。

## 2 结果

图 1 为亚洲地区寨卡和登革热的流行导致中国的潜在病例。预测寨卡病毒在新加坡输入形成中国的潜在病例(输入和输出)数量最多,为 7.00 例(95% CI:6.50~7.50),其次是泰国 2.00 例(95% CI:1.80~2.20)和越南 1.00 例(95% CI:0.80~1.20),相比之下,菲律宾、印度、韩国、马来西亚、印度尼西亚和日本疫情几乎不会影响到中国(见图 1(a))。预测登革热在泰国输入中国的潜在病例数最多 700.00 例(95% CI:679.79~720.21),其次是马来西亚 654.07 例(95% CI:641.83~666.24)、新加坡 376.30 例(95% CI:368.17~384.13)、越南 277.14 例(95% CI:268.55~285.33)、菲律宾 241.20 例(95% CI:233.61~248.79)和印度尼西亚 67.03 例(95% CI:59.57~74.45),而印度 9.05 例(95% CI:6.71~11.32)和韩国 3.00 例(95% CI:1.90~4.10)(见图 1(b))。



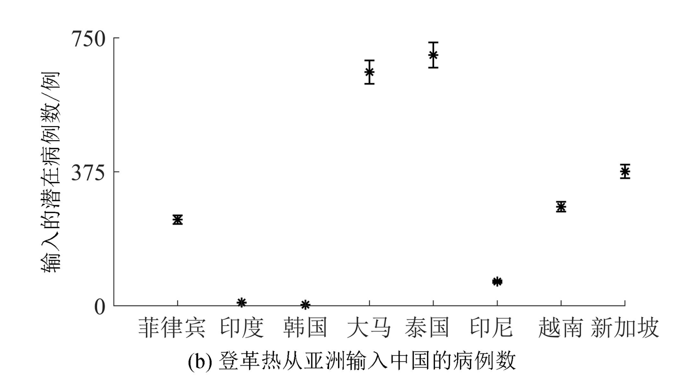
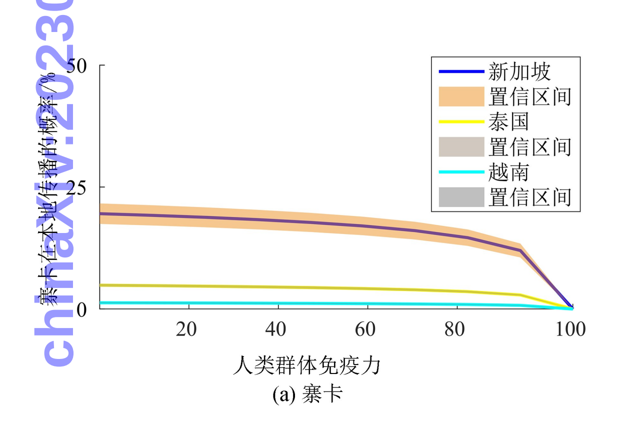




**图 1　从亚洲地区输入到中国潜在病例数的估计值,黑色条表示 95%的置信区间**

图 2 为其他国家寨卡和登革热疫情导致中国在不同群体免疫水平下发生本地感染的概率。发现本地暴发的概率随着群体免疫水平的增高而缓慢降低,其中寨卡的降低幅度更明显,但均需要群体免疫大于 80%才有显著下降。当群体免疫水平为 0 时,新加坡、泰国和越南引起中国发生寨卡本地传播的概率分别为 19.54%(95% CI:17.44%～21.64%)、4.88%(95% CI:4.60%～5.16%)和 1.29%(95% CI:1.19%～1.38%),而菲律宾、印度、韩国、马来西亚、印度尼西亚和日本的寨卡本地病例较少,引起中国本地病例的概率几乎为零(图 2(a))。与寨卡相比,当群体免疫水平为 0 时,菲律宾、印度尼西亚、印度和韩国引起中国本地暴发的概率分别为 93.98%(95% CI:89.44%～98.53%)、59.71%(95% CI:55.31%～64.10%)、9.86%(95% CI:8.25%～11.48%)和 4.11%(95% CI:2.87%～5.35%)(见图 2(b))。而登革热在泰国、越南、马来西亚和新加坡的疫情导致中国本地暴发的概率达到了 99.00%(图 2(b))。



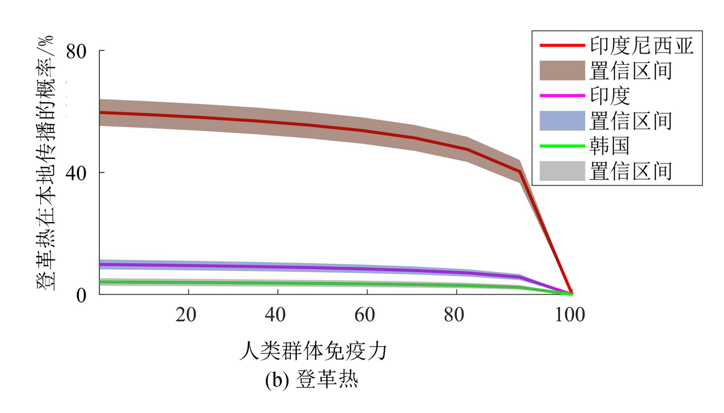
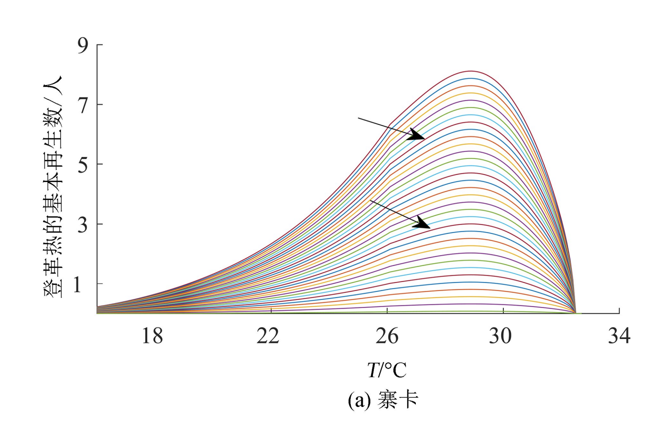




**图 2　不同群体免疫水平下导致本地传播发生的概率,阴影区域表示 95%的置信区间**

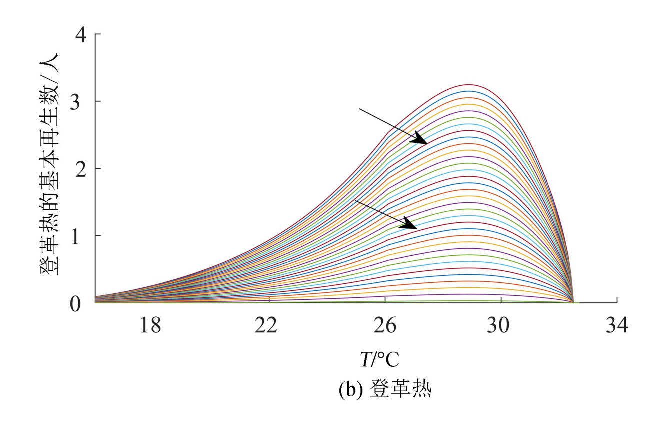
图 3 为寨卡和登革热在不同免疫条件和温度下基本再生数 $R_0$ 的变化。发现随着温度增加,$R_0$ 均先增后减,呈倒 U 型。温度在 28.9 ℃时,寨卡和登革热的 $R_0$ 达到最大值,分别为 8.11 和 3.24(无群体免疫时)。$R_0$ 随着群体免疫力增加而逐渐减小,当群体免疫力从 0 至 1 以 0.03 步长增加时,若群体免疫力从 0 增加到 0.20 和 0.60(见图 3 箭头处),则寨卡和登革热的基本再生数最大值分别降低为 6.65、3.24 和 2.66、1.29。

图 4 为寨卡和登革热在不同温度下亚洲各国疫情对中国本地传播的影响大小。结果表明,当中国平均温度为 28.9 ℃时,新加坡、泰国、越南和韩国的疫情导致中国发生寨卡本地传播的概率分别为 21.14%(95% CI:19.33%～22.94%)、5.34%(95% CI:4.53%～6.14%)、1.47%(95% CI:1.36%～1.58%)和 0.39%(95% CI:0.36%～0.41%)(图 4(a))。菲律宾、印度尼西亚、印度和韩国导致中国发生登革热本地传播概率分别为 95.30%(95% CI:91.03%～99.57%)、60.23%(95% CI:54.39%～66.06%)、10.56%(95% CI:8.62%～12.50%)和 3.88%(95% CI:3.23%～4.53%)(图 4(b))。此时以上国家输入中国的总病例数引起本地传播的风险概率分别为 24.43%和 99.92%。当中国平均温度下降至 23.9 ℃时,以上国家导致中国发生寨卡本地传



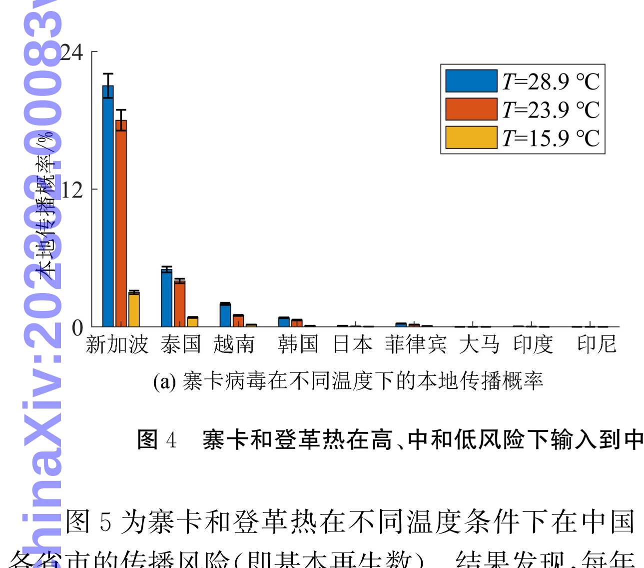
(a) 寨卡



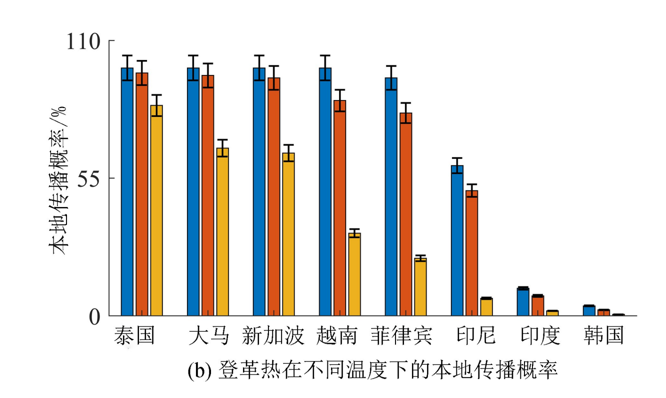
(b) 登革热

**图 3 不同温度和群体免疫力下寨卡和登革热的基本再生数 $R_0$ 的变化**

播概率分别下降 15.76%、22.51%、31.73% 和 15.28%;以上国家导致中国登革热病发生本地传播概率分别下降 14.87%、16.23%、28.13% 和 37.77%。当中国平均温度下降到 15.9 ℃时,以上概率分别下降 85.87%、85.01%、86.42%、87.47%和 75.41%、88.08%、79.81%和 85.18%。



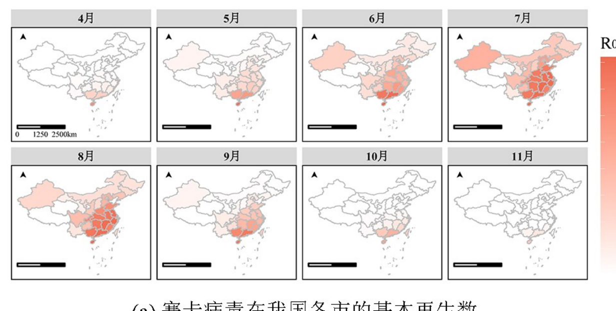
(a) 寨卡病毒在不同温度下的本地传播概率



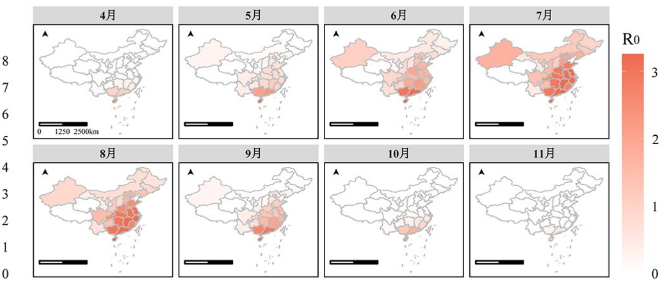
(b) 登革热在不同温度下的本地传播概率

**图 4 寨卡和登革热在高、中和低风险下输入到中国的本地传播概率,本地传播概率显示 95%置信区间**

图 5 为寨卡和登革热在不同温度条件下在中国各省市的传播风险(即基本再生数)。结果发现,每年 6—8 月是疫情的高发期,其中广东、广西、海南、浙江、福建、江西和湖南等南部地区温度较高,风险较高。而到了 9—10 月除了广东、广西和海南,其他地区的基本再生数均迅速降低。在 11 月到次年 3 月,全国各地区的基本再生数均小于 1。特别地,青海和西藏地区全年的基本再生数始终为 0。



(a) 寨卡病毒在我国各市的基本再生数



(b) 登革热在我国各市的基本再生数

**图 5 我国各省市发生寨卡和登革热传播的逐月(4—11 月)风险**

## 3 讨论

研究发现不同国家的输入风险和输入导致本地传播的概率具有明显的差异性。寨卡病毒输入中国的风险主要来自新加坡,其次是泰国和越南,导致本地传播的概率均小于 22%。登革热的输入风险主要

来自泰国、越南、马来西亚和新加坡,其次是菲律宾。而且这些国家的输入病例很大程度上会引起登革热在中国流行,概率均超过 95%。需注意的是中国至今为止并未出现本地的寨卡疫情,主要原因在于中国部署了严密的联防联控策略以应对 2015—2017 年亚洲地区的疫情[2,29-30],有效降低了寨卡病毒在中国地区的本地传播风险。登革热是比寨卡更流行的蚊媒传染病,输入中国病例和本地传播风险均非常高。主要原因在于,这些国家的登革热病例数较多,且具有大规模的出入境人数。因此,亚洲地区暴发的寨卡和登革热疫情对中国的影响不容忽视。

分析表明,寨卡和登革热在中国暴发期的高风险时间是 6—8 月,集中分布在中南和东南部,在 11 月到次年 3 月全国风险均很低,其余时间广东、广西和海南也存在一定风险。风险的时空异质性主要是温度起关键的调控作用,其对基本再生数的影响呈非线性倒 $U$ 型,最适宜温度是 28.90 ℃。另外,群体免疫能够降低输入风险,但只有当群体免疫达 60%以上时,登革热的基本再生数才有可能小于 1。实际上,登革热在中国是因为输入病例引起的本地暴发,监控数据显示,每年的 2—7 月均有不少病例从南亚和东南亚进入中国。作为常住人口和流动人口最多的广东省,是输入风险最高的地区[31]。而近两年因为对新冠的管控作用,限制了人口的大范围流动,相应地,登革热的输入和本地感染的人数大幅度降低。这也表明人口流动是导致中国本地寨卡和登革热疫情暴发的根本原因。

## 4　结束语

基于输入病例及出入境人数,通过分支过程、MATLAB 数值分析等方法,评估了寨卡和登革热这 2 类蚊媒传染病通过航空旅行从亚洲流行国家输入到中国的风险以及引起本地传播的概率,并在中国城市的尺度上估计了蚊媒的时空分布。本研究融合了温度、人口流动和国外疫情等更多动态因素。研究结果可为评价中国寨卡和登革热的流行趋势和风险评估提供科学依据。

提出的数学模型可以与高分辨率向量丰度和气候适宜性估计相结合,研究方法可应用于分析其他新出现或再次出现的蚊媒传染病。本研究主要存在以下局限性:输入风险仅针对亚洲地区的主要疫情国;模型未囊括所有潜在因素,例如降雨量、社会经济和随机因素等。



**参考文献:**


[1] TATEM A J, HAY S I, ROGERS D J. Global traffic and disease vector dispersal[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2006, 103(16): 6242-6247.

[2] 赵奇,武文,黄华. 病媒生物预防控制“四早”策略分析[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2021, 32(2): 254-256.

[3] KATZELNICK L C, NARVAEZ C, ARGUELLO S, et al. Zika virus infection enhances future risk of severe dengue disease[J]. Science, 2020, 369(6507): 1123-1128.

[4] MUSSO D, KO A I, BAUD D. Zika virus infection after the pandemic[J]. New England Journal of Medicine, 2019, 381(15): 1444-1457.

[5] RUCHUSATSAWAT K, WONGJAROEN P, POSANACHAROEN A, et al. Long-term circulation of Zika virus in Thailand: an observational study[J]. The Lancet Infectious Diseases, 2019, 19(4): 439-446.

[6] WHO. Coronavirus disease Zika virus pandemic[EB/OL]. (2019-07-02)[2021-10-20]. https://www.who.int/zh/emergencies/diseases-coronavirus-2019.

[7] 王金娜,侯娟,刘钦梅,等. 白纹伊蚊登革病毒检测研究进展[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2020, 31(3): 276-378.

[8] 赵建国,贾巧娟,王丽莹,等. 气象因素对登革热传播影响的研究进展[J]. 现代预防科学, 2020, 47(22): 4185-4189.

[9] WHO. Dengue and severe dengue[EB/OL]. (2020-10-24)[2021-10-20]. https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue.

[10] LAI S J, JOHANSSON M A, YIN W, et al. Seasonal and interannual risks of dengue introduction from South-East Asia into China, 2005—2015[J]. PLoS Neglected Tropical Diseases, 2018, 12(11): e0006743.

[11] 岳玉娟,任东升,刘小波,等. 2014—2018 年中国登革热病例空间特征及相关关系研究[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2020, 31(5): 517-520.

[12] 刘小波,吴海霞,郭玉红,等. 2019 年全国媒介伊蚊监测报告[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2020, 31(4): 410-406.

[13] 杨志俊,王静. 我国连续发现输入性寨卡病毒感染病例的启示[J]. 中华卫生杀虫药械, 2016, 22(4): 405-406.

[14] ZHANG J, JIN X, ZHU Z, et al. Early detection of Zika virus infection among travellers from areas of ongoing transmission in China[J]. Journal of Travel Medicine, 2016, 23(5): taw047.

[15] DORIGATTI I, HAMLET A, AGUAS R, et al. International risk of yellow fever spread from the ongoing outbreak in Brazil, December 2016 to May 2017[J]. Eu-

rosurveillance,2017,22(28):30572.

[16] JOHANSSON M A, ARANA-VIZCARRONDO N, BIGGERSTAFF B J,et al. Assessing the risk of international spread of yellow fever virus:a mathematical analysis of an urban outbreak in Asuncion,2008[J]. The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene, 2012,86(2):349-358.

[17] VAN DEN DRIESSCHE P,WATMOUGH J. Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission[J]. Mathematical Biosciences,2002,180(1/2):29-48.

[18] LUO X S, IMAI N, DORIGATTI I. Quantifying the risk of Zika virus spread in Asia during the 2015-16 epidemic in Latin America and the Caribbean:a modeling study[J]. Travel Medicine and Infectious Disease, 2020,33:101562.

[19] WESOLOWSKI A, QURESHI T, BONI M F, et al. Impact of human mobility on the emergence of dengue epidemics in Pakistan[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences,2015,112(38):11887-11892.

[20] YANG H M,MACORIS M L G,GALVANI K C,et al. Assessing the effects of temperature on the population of Aedes aegypti,the vector of dengue[J]. Epidemiology and Infection,2009,137(8):1188-1202.

[21] LAMBRECHTS L,PAAIJMANS K P,FANSIRI T,et al. Impact of daily temperature fluctuations on dengue virus transmission by Aedes aegypti[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2011, 108(18): 7460-7465.

[22] ITB Academy. ITB world travel trends report 2016/17 [EB/OL]. (2017-12-10)[2021-10-20]. https://www.itbberlin.de/media/itb/itb_dl_all/itb_presse_all/World_Travel_Trends_Report_2016_ 2017.

[23] CHARREL R N,LEPARC-GOFFART I,PAS S,et al. State of knowledge on Zika virus for an adequate laboratory response[J]. Bulletin of the World Health Organisation,2017,94(8):171207.

[24] WEARING H J,ROHANI P. Ecological and immunological determinants of dengue epidemics[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2006, 103 (31):11802-11807.

[25] PAZ-BAILEY G,ROSENBERG E S,DOYLE K,et al. Persistence of Zika virus in body fluids[J]. New England Journal of Medicine,2018,379(13):1234-1243.

[26] FOCKS D A,BRENNER R J,HAYES J,et al. Transmission thresholds for dengue in terms of Aedes Aegypti pupae per person with discussion of their utility in source reduction efforts[J]. The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene,2000,62(1):8-11.

[27] MORDECAI E A,COHEN J M,EVANS M V,et al. Detecting the impact of temperature on transmission of Zika,dengue,and chikungunya using mechanistic models[J]. PLoS Neglected Tropical Diseases,2017,11(4): e0005568.

[28] GRUBAUGH N D, LADNER J T, KRAEMER M U G,et al. Genomic epidemiology reveals multiple introductions of Zika virus into the United States[J]. Nature,2017,546(7658):401-405.

[29] 刘起勇,寨卡病毒媒介伊蚊控制策略和措施展望[J]. 中国媒介生物学及控制杂志,2016,27(2):93-98.

[30] 赵宁,郭玉红,吴海霞,等. 2019 年全国媒介蚊虫监测报告[J]. 中国媒介生物学及控制杂志,2020,31(4): 395-400.

[31] LUN X, WANG Y, ZHAO C, et al. Epidemiological characteristics and temporal-spatial analysis of overseas imported dengue fever cases in outbreak provinces of China,2005—2019[J]. Infectious Diseases of Poverty, 2022,11(1):1-17.

实习编辑:高波